

## Streszczenie

Struktura RNA jest kluczowym czynnikiem determinującym jego funkcję, ponieważ dynamiczne zmiany konformacyjne cząsteczek RNA są kluczowe dla ich roli, np. w regulacji ekspresji genów i syntezie białek. Dokładne określenie struktury RNA za pomocą metod takich jak NMR lub krystalografia rentgenowska jest trudne ze względu na dynamiczną naturę cząsteczek RNA, a także jest pracochłonne i kosztowne. Techniki sondowania struktury RNA oferują alternatywę, umożliwiając obserwację RNA w różnych warunkach, w tym *in vivo* i *in vitro*. Szybki rozwój protokołów sondowania o dużej przepustowości umożliwił analizę tysięcy cząsteczek RNA jednocześnie, dostarczając kompleksowych zbiorów danych, które można zintegrować z modelami komputerowymi w celu poprawy dokładności przewidywań struktury RNA.

W tej pracy przedstawiłam dwie nowe metody obliczeniowe: probNORM i rnaCARD. probNORM to uniwersalna metoda analizy danych z eksperymentów sondowania struktury drugorzędowej RNA o dużej przepustowości, obliczająca reaktywność poszczególnych nukleotydów na podstawie skorygowanego rozkładu sygnału w próbce kontrolnej. Ta metoda umożliwia uzyskanie silnego sygnału z dobrą rozdzielczością między nukleotydami jedno- i dwuniciowymi w strukturze RNA. rnaCARD została opracowana do porównywania dwóch alternatywnych struktur drugorzędowych RNA, pozwalając na odkrycie podobieństw i różnic między strukturami na podstawie ich reprezentacji w notacji abstrakcyjnych kształtów RNA. Obie metody zostały opracowane w języku Python, wraz z aplikacjami internetowymi napisanymi w języku R Shiny.

Stworzone metody zastosowałam do przeprowadzenia kompleksowej analizy struktur drugorzędowych RNA regionów UTR wirusa Zika. Na podstawie reaktywności obliczonych za pomocą probNORM, przeprowadziłam modelowanie struktury RNA czterech izolatów wirusa Zika a następnie zidentyfikowałam nowe cechy strukturalne za pomocą rnaCARD.